

FIGURE 1

ATGGGTTCCATGCGTCTATT 20  
M G S M R L L

----- prx9+ ----->  
 AGTAGTGGCATTGTTGTGTGCATTTGCTATGCATGCAGGTTTTTCAGTCTCTTATGCTCA 80  
V V A L L C A F A M H A G F S V S Y A Q 1  
 signal sequence

GCTTACTCCTACGTTCTACAGAGAAACATGTCCAAATCTGTTCCCTATTGTGTTTGGAGT 140  
 L T P T F Y R E T C P N L F P I V F G V 21

----- prx12+ ----->  
 AATCTTCGATGCTTCTTTACCGATCCCCGAATCGGGGCCAGTCTCATGAGGCTTCATTT 200  
 I F D A S F T D P R I G A S L M R L H F 41  
 active site

I <-----  
 TCATGATTGCTTTGTTCAAG GTTGTGATGGATCAGTTTTGCTGAACAACACTGATACAAT 260  
H D C F V Q G C D G S V L L N N T D T I 61

--prx10- --- ----- prx2+ ----->  
 AGAAAGCGAGCAAGATGCACTTCCAAATATCAACTCAATAAGAGGATTGGACGTTGTCAA 320  
 E S E Q D A L P N I N S I R G L D V V N 81

TGACATCAAGACAGCGGTGGAAAATAGTTGTCCAGACACAGTTTCTTGTGCTGATATTCT 380  
 D I K T A V E N S C P D T V S C A D I L 101

II  
 TGCTATTGCAGCTGAAATAGCTTCTGTTCTG GGAGGAGGTCCAGGATGGCCAGTTCCATT 440  
 A I A A E I A S V L G G G P G W P V P L 121

AGGAAGAAGGGACAGCTTAACAGCAAACCGAACCCCTTGCAAATCAAAACCTTCCAGCACC 500  
 G R R D S L T A N R T L A N Q N L P A P 141

TTTCTTCAACCTCACTCAACTTAAAGCTTCCTTTGCTGTTCAAGGTCTCAACACCCTTGA 560  
 F F N L T Q L K A S F A V Q G L N T L D 161

III  
 TTTAGTTACACTCTCAG GTGGTCATACGTTTGAAGAGCTCGGTGCAGTACATTCAATAA 620  
L V T L S G G H T F G R A R C S T F I N 181  
 heme-binding domain

CCGATTATACAACCTTCAAGCAACACTGGAAACCCTGATCCAACCTCTGAACACAACATACTT 680  
 R L Y N F S N T G N P D P T L N T T Y L 201

AGAAGTATTGCGTGCAAGATGCCCCAGAATGCAACTGGGGATAACCTCACCAATTTGGA 740  
 E V L R A R C P Q N A T G D N L T N L D 221

CCTGAGCACACCTGATCAATTTGACAACAGATACTACTCCAATCTTCTGCAGCTCAATGG 800  
 L S T P D Q F D N R Y Y S N L L Q L N G 241

CTTACTTCAGAGTGACCAAGAACTTTTCTCCACTCCTGGTGCTGATACCATTCCTATTGT 860

L L Q S D Q E L F S T P G A D T I P I V	261
<----- prx6- -----	
CAATAGCTTCAGCAGTAACCAGAATACTTTCTTTTCCAACCTTTAGAGTTTCAATGATAAA	920
N S F S S N Q N T F F S N F R V S M I K	281
AATGGGTAAATATTGGAGTGCTGACTGGGGATGAAGGAGAAAATTCGCTTGCAATGTAATTT	980
M G N I G V L T G D E G E I R L Q C N F	301
TGTGAATGGGAGACTCGTTTGGATTAGCTAGTGTGGCGTCCAAAGATGCTAAACAAAAGCT	1040
V N G D S F G L A S V A S K D A K Q K L	321
TGTTGCTCAATCTAAATAAACCAATAATTAATGGGGATGTGCATGCTAGCTAGCATGTAA	1100
V A Q S K *	326
AGGCAAATTAGGTTGTAAACCTCTTTGCTAGCTATATTGAAATAAACCAAAGGAGTAGTG	1160
TGCATGTCAATTCGATTTTGCCATGTACCTCTTGGAATATTATGTAATAATTATTTGAAT	1220
CTCTTTAAGGTACTTAATTAATC (A) n	

FIGURE 2

	10	20	30	40	50	60
1	GCATCATATCATAAACAATACGTACGTGATATTATCTAGTGTCTCTCAGTTTACTTTATG					
61	AGAAATTATTTTTCTTTAAAAAAGTTAATTAATAAAAAACATTTGCGATACCGTGAGTTA					
121	CAAGAAATCCGCCGAATTCATCTCTATAAATAAAAGGATCTATATGAGAGGTAAAATCAT					
181	ATTAACCTCAAATGGGTTCCATGCGTCTATTAGTAGTGGCATTGTTGTGTGCATTTGCTA					
241	TGCATGCAGGTTTTTCAGTCTCTTATGCTCAGCTTACTCCTACGTTCTACAGAGAAACAT					
301	GTCCAAATCTGTTCCCTATTGTGTTTGGAGTAATCTTCGATGCTTCTTTCCACCGATCCCC					
361	GAATCGGGGCCAGTCTCATGAGGCTTCATTTTCATGATTGCTTTGTTCAAGTACGTACTT					
421	TTTTTTTTTCTTCCAAAATGCCCTGCATATTTAACAAGATTGCTTTGTTTCACTTAGAAAA					
481	ATGTGTTTTTTTTCAACGATCTTACGTACGTTTGTGTTGGTTTGAAAAATAAATCAGAAAGA					
541	GATCAAGAAAATAGCTAGAAAGAAAGCAACGTTTTTTTTTAAAAGGTATTTAGTGTGAGAAA					
601	AATATTAAAACTGAAGAGAAAGAAATTAAATAAGCTTTTCTTGAATGATATTTACATGTC					
661	TTATTAACCTTAAAGTCACCTTTTTTCTTTAAGTTGTGCTTGAAGAAAAAAGATGTCTTTC					
721	AGTTTAGTTTTGATTAATGCTAATTATATTTTTTAATTAATTAATTAATACTATATATCTA					
781	TTTACCATATTAATTATTACTATATTTTCATGATGACAACAGACAAGTATTCTAAAGAGGT					
841	ATCGGTAGATGATTAATTTTTTTTATAAAAAAATCTTTTGCCTGTATAGATATTCTTTTAT					
901	AATTGGTGCAGAACTTGTAATGCTAATTGCAATTAATCTTACATTGATTAACATAATAGC					
961	TATAATCAATATTTAGGTTAGGTATAGGAGACAAATCAAGTGATCTGAACAAATTAAGTT					
1021	GTTATATTTGCATTGTGACAGGGTTGTGATGGATCAGTTTTGCTGAACAACACTGATACA					
1081	ATAGAAAGCGAGCAAGATGCACTTCCAAATATCAACTCAATAAGAGGATTGGACGTTGTC					
1141	AATGACATCAAGACAGCGGTGGAAAATAGTTGTCCAGACACAGTTTCTTGTGCTGATATT					
1201	CTTGCTATTGCAGCTGAAATAGCTTCTGTTCTGGTAATTAATAACTCCTAATTAATTCCC					
1261	AACCATTAAAAAGTTGCATGATTGGATTCAAAATTCATGGTATTGGGGTTCTGATATAA					
1321	ATTTGTAATTAAATTGCACTAAAAAAATTTATCATATACTTTTAATAAAAAAAATTTATC					
1381	TAATTTAATTTATTATTAATACTATTTTAAATTCATCTTAACTCTTTTTTAAATCGGA					
1441	GCATGTAAGCTGGCACCCACCGTATATCGTTGGAAGATGCTATAAAACCATTAAATTAAT					
1501	GGATGGAATCAGTCAAAACATTTAATTCAAAATACTCTTAATTGTGATTAGTAATCATGT					
1561	TCGGGCAAGTTACGTTGTGTATAATTAATTTGACTTAATCAGATAAAAAAACAAATGGAC					
1621	GCAAGCCGGTTGGTATAGATATCACTGGCCTGTAGAATATGTGGTTTTTCACGTTTAAAT					
1681	AAAAGCTAGCTACTATATTATATTTAGTCTTTTTTTTTCTTAAACCCATTAAACGTGATT					
1741	TATTGACTGTGAAACATGTTTCCACACACAGGCTTAGAACTCCTCGCAACTAACATCTC					
1801	CAAAATTTGACTATTTATTTATGAAGATAATTCATCTATGATGTTCAACTCTATTATATA					
1861	TATGTATCATCGCAGTATTAAGAATTATAATAGTCAAATATAGAAGTATATCGGGTAAAT					
1921	GTAGTTGCATGTGCGACCTGTTTCGTGTAAAATGCTTATTTCTATATAGCTTTTTTTATTG					
1981	GAAAATAACGATGAACTAAAAACGAAAGGGTATCATATAGTTTGACTTTTATGTTAGAGA					
2041	GAGACATCTTAATTTGGTCATATGTTAAATAATTAATTACAATGCATACACAAATATTTA					
2101	TGCCATATCTAAAAAATGATAAAATATCATAGGTATACTCAACTATATGATATCCCCATA					
2161	ACAGAAATTGTACTTTTCTTCAGGCAATGAACTTAACATTTCTGTTTGCTAAAAACAAAC					
2221	ATCCACTTAAAGTGGTTCAACATATTTATGTAATAATTTACAGGGAGGAGGTCCAGGATG					
2281	GCCAGTTCCATTAGGAAGAAGGGACAGCTTAACAGCAAACCGAACCTTGCAAATCAAAA					
2341	CCTTCAGCACCTTTCTTCAACCTCACTCAACTTAAAGCTTCCTTTGCTGTTCAAGGTCT					
2401	CAACACCCTTGATTTAGTTACACTCTCAGGTATACATAATCAATTTTTTATTGTCTATTA					
2461	GCTAGCAATAAAAAGTCTCTGATACAGACATATTTAGATAAAATTAATTTCTCCATAAACA					
2521	TTTATAATAAAAATTATCAATTTATGTACTTAAAAAATTATGGATTGAAGCTCTTTTCATCC					
2581	AACTTTACTTAAAGTTAAGGTGCATATAATATAAAATAAACTATCTCTTGTCTTTATATA					
2641	AAAGATTGAAGATAAGTTAAAGTCTACTTATAAATCATTAAATATATGTATAGGTGGTCAT					
2701	ACGTTTGAAGAGCTCGGTGCAGTACATTCATAAACCGATTATACAACCTTCAGCAACACT					
2761	GGAAACCCTGATCCAACCTCTGAACACAACATACTTAGAAGTATTGCGTGCAAGATGCCCC					
2821	CAGAAATGCAACTGGGGATAACCTCACCAATTTGGACCTGAGCACACCTGATCAATTTGAC					
2881	AACAGATACTACTCCAATCTTCTGCAGCTCAATGGCTTACTTCAGAGTGACCAAGAAGTT					
2941	TTCTCCACTCCTGGTGTGATACCATTCCCATTTGTCAATAGCTTCAGCAGTAACCAGAAAT					
3001	ACTTTCTTTTCCAACTTTAGAGTTTCAATGATAAAAAATGGGTAAATATTGGAGTGTGACT					

3061 GGGGATGAAGGAGAAATTCGCTTGCAATGTAATTTTGTGAATGGAGACTCGTTTGGATTA  
3121 GCTAGTGTGGCGTCCAAAGATGCTAAACAAAAGCTTGTGCTCAATCTAAATAAACCAAT  
3181 AATTAATGGGGATGTGCATGCTAGCTAGCATGTAAAGGCAAATTAGGTTGTAAACCTCTT  
3241 TGCTAGCTATATTGAAATAAACCAAAGGAGTAGTGTGCATGTCAATTCGATTTTGCCATG  
3301 TACCTCTTGAATATTATGTAATAATTATTTGAATCTCTTTAAGGTACTTAATTAATCA

FIGURE 3A

L78163	-----ATGGGTTCCATGCGT-CTATTAGTAGTGGCATTGTTG	36
U41657	-----	0
X90693	G----GCAAA-CAATGAACTCCCTTCGTGCTGTAGCAATAG-CTTTGTGC	44
X90694	GCTCTTCAAAACAATGAACTCC-----TTAGCAACTT-CTATGTGG	40
L36156	-----CTCC-----TTAGCAACTT-CTATGTGG	22
X90692	-----AATGCTTGGT-----CTAAGTGCAACAGCTTTTTGCTGTATGG	38
L78163	TGT-----GCATTT-GCTATGCATGCAGGTTTTTTCAGT---CTCTTATGC	77
U41657	-----	0
X90693	TGTATTGTG-----GTTGTGCTTGGAGGGTTACCCCTTCTCTTCAAATGC	88
X90694	TGTGTTGTGCTTTTAGTTGTGCTTGGAGGACTACCCTTTTCTCAGATGC	90
L36156	TGTGTTGTGCTTTTAGTTGTGCTTGGAGGACTACCCTTTTCTCAGATGC	72
X90692	TGT-TTGTGCTAAT-----TGGAGGAGTACCCTTTT--CAAATGC	75
L78163	TCAGCTTACTCCTACGTTCTACAGAGAAACATGTCCAAATCTGTTCCCTA	127
U41657	-----	0
X90693	GCAACTTGATCCATCCTTTTACAGGAACACTTGTCCAAATGTTAGTTCCA	138
X90694	ACAACCTAGTCCCACTTTTTTACAGCAAAACGTGTCCAACTGTTAGTTCCA	140
L36156	ACAACCTAGTCCCACTTTTTTACAGCAAAACGTGTCCAACTGTTAGTTCCA	122
X90692	ACAACCTAGATCCTTCATTTTACAACAGTACATGTTCTAATCTTGATTCAA	125
L78163	TTGTGTTTGGAGTAATCTTCGATGCTTCTTTACCGATCCCCGAATCGGG	177
U41657	-----	0
X90693	TTGTTTCGTGAAGTCATAAGGAGTGTTTCTAAGAAAGATCCTCGTATGCTT	188
X90694	TTGTTAGCAATGTCTTAACAAACGTTTCTAAGACAGATCCTCGCATGCTT	190
L36156	TTGTTAGCAATGTCTTAACAAACGTTTCTAAGACAGATCCTCGCATGCTT	172
X90692	TCGTACGTGGTGTGCTCACAAATGTTTACAATCTGATCCCAGAATGCTT	175
L78163	GCCAGTCTCATGAGGCTTCATTTTCATGATTGCTTTGTTCAAGGTTGTGA	227
U41657	-----TTTCATGATTGCTTTGTTCAAGGTTGTGA	29
X90693	GCTAGTCTTGTCAGGCTTCATTTTCATGACTGTTTTGTTCAAGGTTGTGA	238
X90694	GCTAGTCTCGTCAGGCTTCATTTTCATGACTGTTTTGTTCTGGGATGTGA	240
L36156	GCTAGTCTCGTCAGGCTTCATTTTCATGACTGTTTTGTTCTGGGATGTGA	222
X90692	GGTAGTCTCATCAGGCTACATTTTCATGACTGTTTTGTTCAAGGTTGCGA	225
	***** ** ***** . . . . . *	
L78163	TGGATCAGTTTTGCTGAACAACACTGATACAATAGAAAGCGAGCAAGATG	277
U41657	TGGATCAGTTTTACTGAACAACACTGATACAATAGAAAGCGAGCAAGATG	79
X90693	TGCATCAGTTTTACTAAACAAACTGATACCGTTGTGAGTGAACAAGATG	288
X90694	TGCCTCAGTTTTGCTGAACAATACTGCTACAATCGTAAGCGAACAACAAG	290
L36156	TGCCTCAGTTTTGCTGAACAATACTGCTACAATCGTAAGCGAACAACAAG	272
X90692	TGCCTCGATTTTGCTGAACGATACGGCTACAATAGTGAGCGAGCAAAGTG	275
	** ** . . . . . * . . . . . * * * * . * * . . . . * . . . . *	
L78163	CACTTCCAAATATCAACTCAATAAGAGGATTGGACGTTGTCAATGACATC	327
U41657	CACTTCCAAATATCAACTCAATAAGAGGATTGGACGTTGTCAATGACATC	129
X90693	CTTTTCCAAACAGAACTCATTAAGAGGTTTGGATGTTGTGAATCAAATC	338
X90694	CTTTTCCAAATAACAACCTCTCTAAGAGGTTTGGATGTTGTGAATCAGATC	340
L36156	CTTTTCCAAATAACAACCTCTCTAAGGGGTTTGGATGTTGTGAATCAGATC	322
X90692	CACCACCAAATAACAACCTCCATAAGAGGTTTGGATGTGATAAACCAGATC	325
	* . . . . . * . . . . . * * * * . * * . . . . * * * *	
L78163	AAGACAGCGGTGGAAAATAGTTGTCCAGACACAGTTTCTTGTGCTGATAT	377

U41657	AAGACAGCGGTGGAAAATAGTTGTCCAGACACAGTTTCTTGTGCTGATAT	179
X90693	AAAACAGCTGTGGAAAAGGCTTGTCCTAACACAGTTTCTTGTGCTGATAT	388
X90694	AAACTGGCTGTAGAAGTGCCTTGTCCTAACACAGTTTCTTGTGCTGATAT	390
L36156	AAACTGCTGTAGAAAGTGCCTTGTCCTAACACAGTTTCTTGTGCTGATAT	372
X90692	AAAACAGCGGTGGAAAATGCTTGTCCTAACACAGTTTCTTGTGCTGATAT	375

\*\*. \*\*. \*\*. \*\*. \*\*. \*\*\*\*\*. \*\*\*\*\*. \*\*\*\*\*

L78163	TCTTGCTATTGCAGCTGAAATAGCTTCTGTT-CTGGGAGGAGGTCCAGGA	426
U41657	TCTTGCTATTGCAGCTGAAATAGCTTCTGTTGCTGGGAGGAGGTC-AGGA	228
X90693	TCTTGCTCTTTCTGCTGAATTATCATCTACA-CTGGCAGATGGTCCTGAC	437
X90694	TCTTGCACTTGCTGCTCAAGCATCCTCTGTT-CTGGCACAAGGTCCTAGT	439
L36156	TCTTGCACTTGCT---CAAGCATCCTCTGTT-CTGGCACAAGGTCCTAGT	418
X90692	TCTTGCTCTTTCTGCTGAAATATCATCTGAT-CTGGCAAATGGTCCTACT	424

\*\*\*\*\*. \*\*. \*. \*. \*. \* \*. \*. \* \*. \* \*. \* \*. \*

L78163	TGGCCAGTTCCATTAGGAAGAAGGGACAGCTTAACAGCAAACCGAACCCCT	476
U41657	TGGCCAGTTCCATTAGGAAGAAGGGACAGCTTAACAGCAAACCGAACCCCT	278
X90693	TGGAAGGTTCCCTTTAGGAAGAAGAGATGGTTTAACGGCAAACCGAATCT	487
X90694	TGGACGGTTCCTTTAGGAAGAAGGGATGGTTTAACCGCAAACCGAACACT	489
L36156	TGGACGGTTCCTTTAGGAAGAAGGGATGGTTTAACCGCAAACCGAACACT	468
X90692	TGGCAAGTTCCATTAGGAAGAAGGGATAGTTTGACAGCAAATAATTCCT	474

\*\*\*. \*\*\*\*\*. \*\*\*\*\*. \* \*. \* \*. \* \*. \* \*. \* \*. \*

L78163	TGCAAATCAAAACCTTCCAGCACCTTTCTTCAA--CCTCA-CTCAACTTA	523
U41657	TGCAAATCAAAACCTTCCAGCACCTTTCTTCAA--CCTCA-CTCAACTTA	325
X90693	TGCTAATCAAAATCTTCCAGCTCC---TTTCAATACTACTGATCAACTTA	534
X90694	TGCAAATCAAAATCTTCCGGCTCC---ATTCAATTCCTTGGATCAACTTA	536
L36156	TGCAAATCAAAATCTTCCGGCTCC---ATTCAATTCCTTGGATCACCTTA	515
X90692	TGCAGCTCAAAATCTTCCCTGCCCCACTTTCAA--CCTTA-CTCGACTAA	521

\*\*\*. \*\*\*\*\*. \*\*\*\*\*. \* \*. \* \*. \* \*. \* \*. \* \*. \*

L78163	AAGCTTCCTTTG-CTGTTCAAGGTCTCAACACCCTTGATTTAGTTACACT	572
U41657	AAGCTTCCTTTG-CTGTTCAAGGTCTCAACACCCTTGATTTAGTTACACT	374
X90693	AAGCTGCATTTG-CTGCTCAAGGTCTCGATACTACTGATCTGGTTGCACT	583
X90694	AAGCTGCATTT-ACTGCTCAAGGCCTCAATACTACTGATCTAGTTGCACT	585
L36156	AA-CTGCATTTGACTGCTCAAGGCCTCATTACTCCTGTTCTAGTTGCCCT	564
X90692	AATCTAACTTTGA-TAATCAAAACCTCAGTACTACTGATCTAGTTGCACT	570

\*\* \*. \* \*. \* \*. \* \*. \* \*. \* \*. \* \*. \* \*. \*

L78163	CTCAGGTGGTCATACGTTTGGAAAGAGCTCGGTGCAGTACATTCATAAACCC	622
U41657	CTCAGGTGGTCATACGTTTGGAAAGAGCTCGGTGCAGTACATTCATAAACCC	424
X90693	CTCCGGTGCTCATAACATTTGGAAGAGCTCATTGCTCTTTATTTGTTAGCC	633
X90694	CTCGGGTGCTCATAACATTTGGAAGAGCTCATTGCGCACAAATTTGTTAGTC	635
L36156	CTCGGGTGCTCATAACATTTGGAAGAGCTCATTGCGCACAAATTTGTTAGTC	614
X90692	CTCAGGTGGCCATACAATTGGAAGAGGTCAATGCAGATTTTTTCGTTGATC	620

\*\*\* \*\*\*\*\*. \*\*\*\*\*. \* \*. \* \*. \* \*. \* \*. \* \*. \*

L78163	GATTATACAACCTTCAGCAACACTGGAAACCCGTATCCAACCTCTGAACACA	672
U41657	GATTATACAACCTTCAGCAACACTGGA---CTGATCCA-CT-TGGACACA	468

X90693	GATTGTACAACTTCAGCGGTACGGGAAGTCCCGATCCAACCTCTTAACACA	683
X90694	GATTGTACAACTTCAGCAGTACTGGAAGTCCCGATCCAACCTCTTAACACA	685
L36156	GATTGTACAACTTCAGCAGTACTGGAAGTCCCGATCCAACCTCTTAACACA	664
X90692	GATTATACAATTTTCAGCAACACTGGAAACCCCGATTCAACCTCTTAACACG	670
	****.***** *****.. **.* ** * ** * ** * ..****.	
L78163	ACATACTTAGAAGTATTGCGTGCAAGATGCCCCCAGAATGCAACTGGGGA	722
U41657	ACATACTTAGAAGTATTGCGTGCAAGATGCCCCCAGAATGCAACTGGGGA	518
X90693	ACTTACTTACAACAATTGCGCACAATATGTCCCAATGGTGGACCTGGCAC	733
X90694	ACTTACTTACAACAATTGCGCACAATATGTCCCAATGGTGGACCTGGCAC	735
L36156	ACTTACTTACAACAATTGCGCACAATATGTCCCAATGGTGGACCTGGCAC	714
X90692	ACCTATTTACAAACATTGCAAGCAATATGTCCCAATGGTGGACCTGGTAC	720
	** ** * ** * * * **..****.*** ** * ..** * ****.	
L78163	TAACCTCACCAATTTGGACCTGAGCACACCTGATCAATTTGACAACAGAT	772
U41657	TAACCTCACCAATTTGGACCTGAGCACACCTGATCAATTTGACAACAGAT	568
X90693	GAACCTTACCAATTTTCGATCCAACGACTCCTGATAAATTTGACAAGAAGT	783
X90694	AAACCTTACCAATTTTCGATCCAACGACTCCTGATAAATTTGACAAGAAGT	785
L36156	AAACCTTACCAATTTTCGATCCAACGACTCCTGATAAATTTGACAAGAAGT	764
X90692	AAACCTAACCGATTTGGACCCAACCACACCAGATACATTTGACTCCAAC	770
	.***** **..***** ** * . * **..***.*** *****. * . *	
L78163	ACTACTCCAATCTTCTGCAGCTCAATGGCTTACTTCAGAGTGACCAAGAA	822
U41657	ACTACTCCAATCTTCTGCAGCTCAATGGCTTACTTCAGAGTGACCAAGAA	618
X90693	ATTACTCTAATCTTCAAGTGAAAAAAGGTTTGCTTCAAAGTGATCAAGAG	833
X90694	ATTACTCCAATCTTCAAGTGAAAAAAGGTTTGCTTCAAAGTGATCAAGAG	835
L36156	ATTACTCCAATCTTCAAGTGAAAAAAGGTTTGCTTCAAAGTGATCAAGAG	814
X90692	ACTACTCCAATCTTCAAGTTGGAAAGGGCTTGTTTCAGAGTGACCAAGAG	820
	* ***** ***** *.. .. **..** ** * **..***** *****.	
L78163	CTTTTCTCCACTCCTGGTGCTGATACCATTCCCATTGTCAATAGCTTCAG	872
U41657	CGTTTCTCCACTCCTGGTGCTGATACCATTCC-ATTGTCAATAGCTTCAG	667
X90693	TTGTTCTCAACATCTGGTTTCAGATACCATTAGCATTGTCAACAAATTCGC	883
X90694	TTGTTCTCAACTTCTGGTGCTGATACCATTAGCATTGTCAACAAATTCAG	885
L36156	TTGTTCTCAACTTCTGGTGCTGATACCATTAGCATTGTGCGACAAATTCAG	864
X90692	CTTTTTTCCAGAAATGGTTCTGACACTATTTCTATTGTCAATAGTTTCGC	870
	..** ** * . *****..** ** ** *****. * . ***.	
L78163	CAGTAACCAGAATACTTTCTTTTCCAACCTTTAGAGTTTCAATGATAAAAA	922
U41657	CG--AACCAGAATACTTTCTTTTCCAACCTTTAGAGTTTCAATGATAAAAA	715
X90693	AACCGATCAAAAAGCTTTTTTTGAGAGCTTTAGGGCTGCTATGATCAAAA	933
X90694	CACCGATCAAAAATGCTTTCTTTGAGAGCTTTAAGGCTGCAATGATTAAAA	935
L36156	CACCGATCAAAAATGCTTTCTTTGAGAGCTTTAAGGCTGCAATGATTAAAA	914
X90692	CAATAATCAAACCTCTCTTTTGAATTTTGTAGCCTCAATGATAAAAA	920
	. * **.* . ** **.. * . ***... * .***** ****	
L78163	TGGGTAATATTGGAGTGCTGACTGGGGATGAAGGAGAAATTCGCTTGCAA	972
U41657	TGGGTAATATTGGAGTGCTGACTGGGGATGAAGGAGAAATTCGCTTGCAA	765
X90693	TGGGAAATATTGGTGTGTTAACCGGGAACCAAGGAGAGATTAGAAAACAA	983
X90694	TGGGCAATATTGGTGTGCTAACAGGGACAAAAGGAGAGATTAGAAAACAA	985
L36156	TGGGCAATATTGGTGTGCTAACAGGGACAAAAGGAGAGATTAGAAAACAA	964
X90692	TGGGTAATATTGGAGTTTTAACTGGATCTCAAGGTGAAATTAGAACACAG	970

L78163	TGTAATTTTGTGAA---TGGAGACTCGT-----TTGGATTAGC	1007
U41657	TGTAATTTTGTGAA---TGGAGACTCGT-----TTGGATTAGC	800
X90693	TGCAACTTTGTTAATT-----CAAAATCAGCAGAACTTGGTCTTAT	1024
X90694	TGCAACTTTGTGAACTTTGTGAACTCAAATTCTGCAGAACTAGATTTAGC	1035
L36156	TGCAACTT-----TGTGAACTCAAATTCTGCAGAACTAGATTTAGC	1005
X90692	TG-----TAATGCTGTGAATGGGAATTCTTC-----TGGATTGGC	1005
	**	

L78163	TAGTGTGGCGTCCAAAGATGCTAAACAAAAGCTTGTTGCTCAATCTAAAT	1057
U41657	TAGTGTGGCGTCCAAAGATGCTAAACAAAAGCTTGTTGCTCAATCTAAAT	850
X90693	CAATGTTGCCTC--AGCAG--ATTCATCTG-AGGAGGGTATGGTTAG--	1066
X90694	CACCATAGCATCCATAGTAG--AATCATTAG-AGGATGGTATTGCTAGTG	1082
L36156	CACCATAGCATCCATAGTAG--AATCATTAG-AGGATGGAATTGCTAGTG	1052
X90692	TACTGTAGTCACCAA--AG--AATCATCAG-AAGATGGAATGGCTAGCT	1049
	* * * * *	

L78163	AAACCAATAATTAATGGGGATGTGCATGCTAGCTAGCATGTAAAGGCCAAA	1107
U41657	AAACCAATAATTAATGGGGATGTGCGATGCTAGCTACGATGTAAAGGCCAAA	900
X90693	-----CTCAATGTAAA-TG-TAG	1082
X90694	TAATATAAATAAATTAG-----CGTAAATGCACTTATTGAA-ATCTTG	1124
L36156	TAATATAAATAAATTAG-----CGAAAAATGCACTTATTGAA-ATCTTG	1094
X90692	CATTCTAAAT--ATAAG-----CTTGGAATAATTGAAGAGGTTCTAT	1090
	. . . . *	

L78163	TTAGGTTGTAAACCTCTTTGCTAGCTATATTGAAATAAACCAAAGGAGTA	1157
U41657	TTAGGTTG-AAACCTCTTTGCTAGCTATATTGAAATAAACCAAAGGAGTA	949
X90693	T--GATTGGAAGCAACTAA--TAAATTAAGAAGCTATAAC-----T	1119
X90694	T--GACTAGATGCCACTAA--TAAAT---AAGTTATAAC-----T	1157
L36156	T--GACTAGATCCCACTAA--TAAAT---AAGTTATAAC-----T	1127
X90692	A-ATTTTGTGCATACATA--TATGGTATGTG-----	1118
	*                **                *	

L78163	GTGTGCATGTCAATTGCGATTTTGC-CATGTACCTCTTGGAATAT-----	1200
U41657	GTGTGCGATGTCAATTGCGATTTTGC-CATGTACCTCTTGGAATATTATGTA	998
X90693	. ATGCACATT-CATGGTATGTGTGAGATAGTTATTAGATGCTTTGTGAGCA	1168
X90694	AGGCACATTTTCATGTCACTTGAAATTTTCATGCCT-GTATATGAG-----	1200
L36156	AGGCACATTTTCATGTCACTTGAAATCCTATGCCTTGTATATTAGAGGACG	1177
X90692	-----CATGTGGTGTA--TTATGTTTTTGTATTGTTCTTCAAGTTGATCA	1161
	* * . . . . . *	

L78163	-----	1200
U41657	ATAATTATTTGAATCTC-----AAAAAAAAAAAAAAAAAA	1031
X90693	AAAATCTTTTGGATTTC---ATTGGAAGTGTTTCT---	1200
X90694	-----	1200
L36156	TGT-TCTT-----C-----TTGGTATTATACTA--T	1200
X90692	GGGA-CTGTAGAAGCTCCCTAATAATATTTGTGTCAAAGT	1200



FIGURE 3B

L78163	MGSMRLLVVALLCAMHAGFSVSY---AQLTPTFYRETCPNLFPIVFGV	47
U41657	-----	0
X90693	MNSLRVAIAIALCCIV--VVLGGLPFSSNAQLDPSFYRNTCPNVSSIVREV	48
X90694	MNSL---ATSMWCVVLLVVLGGLPFSSDAQLSPTFYSKTCPTVSSIVSNV	47
L36156	M-----WCVVLLVVLGGLPFSSDAQLSPTFYSKTCPTVSSIVSNV	40
X90692	MLGLSATA---FCCMVFLIGGVFSS-NAQLDPSFYNSTCSNLDSIVRGV	46
L78163	IFDASFTDPRIGASLMRLHFHDCFVQGCDSVLLNNTDTIESEQDALPNI	97
U41657	-----FHDCFVQGCDSVLLNNTDTIESEQDALPNI	31
X90693	IRSVSKDPRMLASLVRLHFHDCFVQGCDSVLLNNTDTIVVSEQDAFPNR	98
X90694	LTNVSKTDPRMLASLVRLHFHDCFVQGCDSVLLNNTATIVSEQQAFPNR	97
L36156	LTNVSKTDPRMLASLVRLHFHDCFVQGCDSVLLNNTATIVSEQQAFPNR	90
X90692	LTNVQSDDPRMLGSLIRLHFHDCFVQGCDSVLLNNTATIVSEQSAPPNR	96
	***** ***.***.***.***.*** ** *	
L78163	NSIRGLDVVNDIKTAVENSCPDTVSCADILAIAAEIASVLGGGPGWPVPL	147
U41657	NSIRGLDVVNDIKTAVENSCPDTVSCADILAIAAEIASVAGRRSGWPVPL	81
X90693	NSLRGLDVVNQIKTAVEKACPNTVSCADILALSALSSSTLADGPDWKVPL	148
X90694	NSLRGLDVVNQIKLAVEVPCPNTVSCADILALAAQASSVLAQGPSWTVPL	147
L36156	NSLRGLDVVNQIKTAVESACPNTVSCADILALA-QASSVLAQGPSWTVPL	139
X90692	NSIRGLDVINQIKTAVENACPNTVSCADILALSALSSSTLANGPTWQVPL	146
	**..*****.*** ***.***.*****.*** ** *	
L78163	GRRDSL TANRTLANQNLPAPFFNL TQLKASFAVQGLNTLDLVTLSGGHTF	197
U41657	GRRDSL TANRTLANQNLPAPFFNL TQLKASFAVQGLNTLDLVTLSGGHTS	131
X90693	GRRDGL TANQLLANQNLPAPFNTTDQLKAAFAAQGLD TDLVALSGAHTF	198
X90694	GRRDGL TANRTLANQNLPAPFNSLDQLKAAFTAQGLNTD LVALSGAHTF	197
L36156	GRRDGL TANRTLANQNLPAPFNSLDHLKLHLTAQGLITPVLVALSGAHTF	189
X90692	GRRDSL TANNSLAAQNLPAPTFNLTRLKSNFDNQNLS TDLVALSGGHTI	196
	****.*****.***.*****.*** ** *	
L78163	GRARCSTFINRLYNFSNTGNPDPTLNTTYLEVL RARCPQ NATGDNLTNLD	247
U41657	GRARCSTFINRLYNFSNTGLIH--LD TTYLEVL RARCPQ NATGDNLTNLD	179
X90693	GRAHCSLFVSRLYNFSGTGSPDPTLNTTYLQQLRTICPNGGPGTNLTNFD	248
X90694	GRAHCAQFVSRLYNFSSTGSPDPTLNTTYLQQLRTICPNGGPGTNLTNFD	247
L36156	GRAHCAQFVSRLYNFSSTGSPDPTLNTTYLQQLRTICPNGGPGTNLTNFD	239
X90692	GRGQCRFFVDRLYNFSNTGNPDSTLNTTYLQTLQAICPNGGPGTNLTDL	246
	**..* **..*****.*** **..*****.*** **..*****.*** ** *	
L78163	LSTPDQFDNRYYSNLLQLNGLLQSDQELFSTPGADTIPIVNSFSSNQNTF	297
U41657	LSTPDQFDNRYYSNLLQLNGLLQSDQERFSTPGADTIPLSIA-SANQNTF	228
X90693	P TTPDKFDKNYYSNLQVKKGLLQSDQELFSTSGSDTISIVNKFATDQKAF	298
X90694	P TTPDKFDKNYYSNLQVKKGLLQSDQELFSTSGADTISIVNKFSTDQNAF	297
L36156	P TTPDKFDKNYYSNLQVKKGLLQSDQELFSTSGADTISIVDKFSTDQNAF	289
X90692	P TTPDTFDSNYYSNLQVGKGLFQSDQELFSRNGSDTISIVNSFANNQTLF	296
	.*** **..*****.***.*****.*** **..*****.*** ** *	
L78163	FSNFRVSMIKMGNIGVLTGDEGEIRLQCNFVN-----GDSFGLASVAS-K	341
U41657	FSNFRVSMIKMGNIGVLTGDEGEIRLQCNFVN-----GDSFGLASVAS-K	272
X90693	FESFKAAMIKMGNIGVLTGNQGEIRKQCNFVN---SKSAELGLINVAS-A	344
X90694	FESFKAAMIKMGNIGVLTGKKEIRKQCNFVNFVNSNSAELDLATIASIV	347
L36156	FESFKAAMIKMGNIGVLTGKKEIRKQCNFVN---SNSAELDLATIASIV	336

X90692 FENFVASMIMGNIGVLTGSQGEIRTQCNVN-----GNSSGLATVVT-K 340  
\*...\* ..\*\*\*\*\*...\*\*\*\*\* \*\* ...\* .....

L78163	DAKQKLVAQSK	352
U41657	DAKQKLVAQSK	283
X90693	DSSEEGMVSSM	355
X90694	ESLEDGIASVI	358
L36156	ESLEDGIASVI	347
X90692	ESSEDGMASF	351

.. .. .

FIGURE 4



FIGURE 5

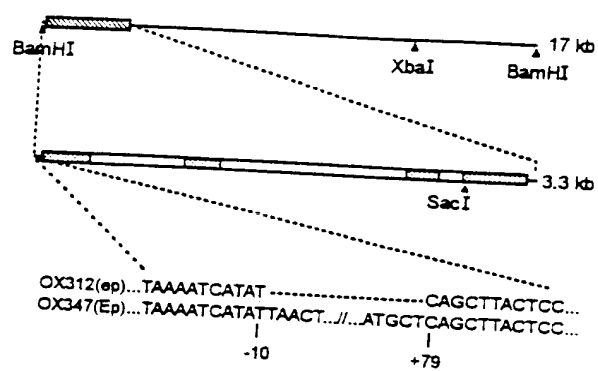


FIGURE 6

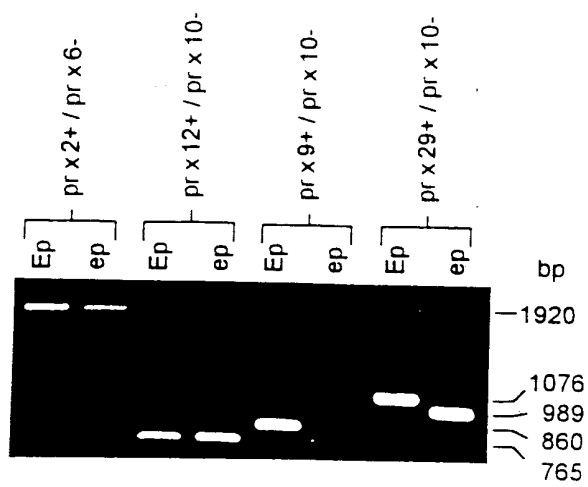


FIGURE 7

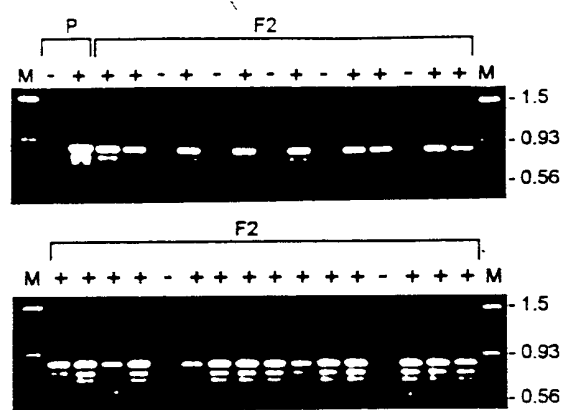


FIGURE 8

